

## **10 (II) Histoire naturels d'un virus zoonotique en mode insulaire : cas de la propagation du virus grippal pandémique H1N1p 2009 à la Réunion, de l'homme au porc, il n'y a qu'un pas.**

Sous-titre :(suite) : **De l'homme au porc, il n'y a qu'un pas !**

Auteurs : **Cardinale E.** (1,2), Pascalis H.(2,3), Temmam S.(2,4), Herve S.(5), Turpin M.(2,3), Hoarau J. (1,2), Roger M. (1,2), Porphyre V. (1), Bonnet-Madin L. (2), De Lamballerie X. (6), Dellagi K.(2,3), Simon G (5).

Institutions : 1. Centre International de Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), UMR CMAEE 34398 Montpellier, France

2. CRVOI, Site du Cyroi, 2 rue Maxime Rivière, 97490 Ste Clotilde 3. Institut de Recherche pour le Développement (IRD) 4. Ecologie microbienne (UMR 5557) CNRS-Université de Lyon, Lyon, France 5. Anses Unité VIP, Site des croix des fusillés, 22440 Ploufragan, France

. Institut de Recherche pour le Développement (IRD) 6. Unité des Virus Emergents (UMR-S 190), IRD-Université de la Méditerranée, Marseille, France, eric.cardinale@cirad.fr

Bien que n'ayant jamais été identifié chez le porc avant d'être détecté chez l'Homme, il a été craint, dès l'émergence du virus influenza A/H1N1 responsable de la pandémie de 2009 (pH1N1), que ce multi-réassortant n'ait la capacité de transgresser facilement la barrière d'espèce Homme/porc puisque tous ses gènes proviennent de virus influenza préalablement adaptés à l'espèce porcine. Peu de temps après son identification chez l'Homme fin avril 2009, des élevages étaient d'ailleurs déclarés infectés en Amérique du Nord, puis partout dans le monde. A l'issue de la phase pandémique en août 2010, des cas étaient rapportés dans une vingtaine de pays. L'Homme a été suspecté être à l'origine de l'infection dans la majorité d'entre eux. Les porcs touchés ont généralement développé un syndrome grippal commun, sans mortalité. On relèvera que certains cas ont également été détectés dans le cadre de programmes de surveillance active menée chez des porcs asymptomatiques. Des inoculations expérimentales ont par ailleurs confirmé la grande sensibilité des porcins. Les animaux inoculés ont présenté de l'hyperthermie, de l'apathie, des difficultés respiratoires et des lésions pulmonaires caractéristiques des infections à virus influenza chez le porc. Du virus a été retrouvé dans les sécrétions nasales jusqu'à 10 jours post-infection et a été transmis à des porcs sentinelles. Considérant ces données, il était légitime de craindre que le pH1N1 s'adapte à l'espèce porcine, comme d'ailleurs les virus responsables des pandémies de 1918 et 1968, la transmission des virus influenza de l'Homme vers le porc étant en outre favorisée lorsque la pression d'infection est très forte. Des investigations sérologiques ont donc été menées sur des animaux reproducteurs, la mise en évidence d'anticorps spécifiques chez ces animaux pouvant révéler l'éventuel passage du virus pH1N1 dans la population porcine. Ainsi, 120 reproducteurs (115 truies de réforme et 5 verrats) âgés de 3 à 5 ans et provenant de 57 élevages différents, ont été prélevés suite à tirage au sort dans l'unique abattoir de l'île, entre novembre 2009 et février 2010. 98/120 sérums (81,6% de l'échantillon analysé) se sont révélés contenir des anticorps anti-virus pH1N1, ceci à des titres relativement élevés puisque 54,2 % d'entre eux ont présenté un titre IHA supérieur ou égal à 160. Une deuxième étude, menée en juin-juillet 2010, a alors porté sur 390 porcs charcutiers, âgés au maximum de 7 mois, c'est dire nés au plus tôt en novembre 2009 et n'ayant donc pas pu être infectés par l'Homme, le virus ne circulant plus de manière significative dans la population humaine à compter de cette date. L'objectif de cette enquête était i) de déterminer le statut sérologique de cette génération de porcs charcutiers vis-à-vis du pH1N1 et ii) de tenter, par des analyses virologiques, de détecter le virus en cas de circulation active. Des anticorps ont été détectés dans 9/320 sérums analysés (soit 2,8%), à des titres allant de 20 à 160. Les analyses virales ont été effectuées par RT-PCR sur le gène M puis H1 et N1 ; du génome de virus influenza A pH1N1 a été détecté dans 14 / 390 prélèvements, lesquels provenaient de 5 élevages différents. Les caractérisations antigéniques (par tests IHA) et génétiques (séquençage des gènes HA et NA) de cet isolat (A/Sw/LaRéunion/0164/10) ont confirmé son appartenance au lignage pH1N1. Depuis la surveillance est maintenue mais les cas d'infection des porcs avec le virus Influenza A pH1N1 restent sporadiques.

## **11 Détection du virus de l'hépatite E chez le porc à Madagascar**

Auteurs : **Porphyre Vincent**, BESNARD Lydia, TEMMAM Sarah, RASAMOELINA ANDRIAMANIVO Harentsoaniaina, PASCALIS Hervé, PAVIO Nicole

Institutions : CIRAD, CRVOI, FOFIFA-FRZV, ANSES, vincent.porphyre@cirad.fr

L'hépatite E est une maladie à transmission oro-fécale qui peut déclencher des hépatites fulminantes, et atteindre un niveau de mortalité de 1 à 4%, voire 20% chez la femme enceinte. L'agent responsable de cette pathologie est le Virus de l'Hépatite E (VHE), seul membre de la famille des Hepeviridae. Les génotypes 1 et 2 sont inféodés uniquement à l'homme et sont responsables d'épidémies dans les pays en développement ; les génotypes 3 et 4, responsables de cas sporadiques, sont inféodés à la fois à l'homme et à l'animal. Ces dernières années, des cas de transmission zoonotique via la consommation de foies de porcs contaminés ont été documentés, notamment à Mayotte et à La Réunion. Aucune étude dans la zone Océan Indien sur les risques de transmission du VHE du porc à l'Homme n'a été conduite à ce jour. L'objectif de notre étude est donc d'investiguer la présence du VHE dans des foies de porcs de Madagascar.

Deux cent cinquante foies de porcs ont été prélevés dans 4 abattoirs d'Antananarivo de novembre 2010 à janvier 2011. La détection du virus s'est faite sur broyats de foie via deux méthodes : une méthode de PCR nichée dérivée de Gyarmati et al. (2007 : in J Virol Methods), et une méthode de RT-PCR en temps réel (Jothikumar et al. 2006 : in J Virol Methods). En parallèle, une PCR nichée permettant l'amplification d'un long fragment de 1kb a été mise en place afin de permettre le séquençage et le génotypage des souches de VHE détectées.

Trois des 250 foies testés (1,2%) ont été détectés positifs pour le VHE. Le séquençage d'un fragment de 1 kb a révélé que ces trois souches de VHE appartiennent au génotype 3. Ces trois souches, isolées sur des animaux provenant de régions d'élevage différentes (une sur la côte littorale Nord-Ouest, et les 2 autres sur les hauts plateaux), semblent former un sous-clade malgache distinct. Cette étude représente la première mise en évidence de la présence et de la circulation active du virus de l'hépatite E dans la zone océan indien.